

# PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(11)Publication number : 05-165969

(43)Date of publication of application : 02.07.1993

(51)Int.Cl. G06F 15/70  
G06F 15/18

(21)Application number : 03-353573

(71)Applicant : RICOH CO LTD

(22)Date of filing : 18.12.1991

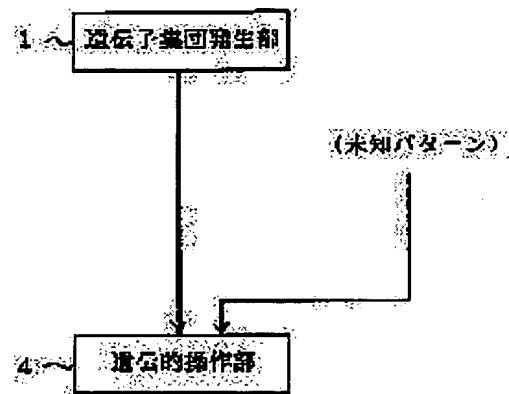
(72)Inventor : TAKATSU KAZUNORI  
WATANABE SUMIO  
SAWAI HIDEFUMI

## (54) DEVICE AND METHOD FOR RECOGNIZING PATTERN

### (57)Abstract:

PURPOSE: To excellently recognize an unknown pattern even if the unknown pattern is transformed by rotation, parallel movement, etc.

CONSTITUTION: A gene group generation part 1 generates a group of genes which have the pattern numbers of a standard pattern and elements of a matrix showing transformation by the rotation, parallel movement, etc., as genotypes. A genic operation part 4 makes the genes in the gene group which have information regarding the standard pattern operate on the previously given standard pattern to obtain an optional transformed standard pattern after optional affine transformation and this transformed standard pattern is compared with the unknown pattern to be recognized to evaluate and select the genes which generate the transformed standard pattern, thereby performing genic operation for the gene group. Consequently, when the evaluation value of the genes in the gene group becomes sufficiently good, information in the genes is outputted as a pattern recognition result.



## LEGAL STATUS

[Date of request for examination]

[Date of sending the examiner's decision of rejection]

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number]

[Date of registration]

[Number of appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's  
decision of rejection]

[Date of extinction of right]

Copyright (C); 1998,2003 Japan Patent Office

(19)日本国特許庁 (J P)

(12) 公 開 特 許 公 報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平5-165969

(43)公開日 平成5年(1993)7月2日

(51)Int.Cl. <sup>5</sup>	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
G 0 6 F 15/70	4 5 0	9071-5L		
15/18		8945-5L		

審査請求 未請求 請求項の数16(全 13 頁)

(21)出願番号 特願平3-353573

(22)出願日 平成3年(1991)12月18日

(71)出願人 000006747

株式会社リコー

東京都大田区中馬込1丁目3番6号

(72)発明者 高津 和典

東京都大田区中馬込1丁目3番6号 株式  
会社リコー内

(72)発明者 渡辺 澄夫

東京都大田区中馬込1丁目3番6号 株式  
会社リコー内

(72)発明者 沢井 秀文

東京都大田区中馬込1丁目3番6号 株式  
会社リコー内

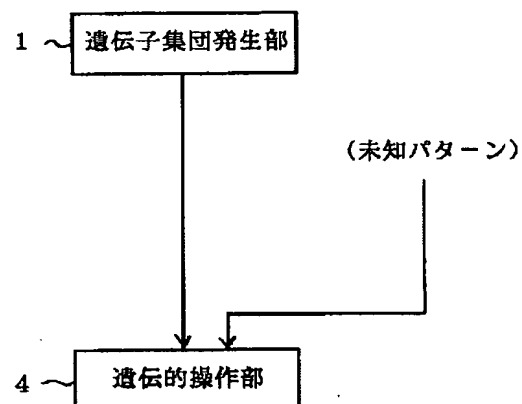
(74)代理人 弁理士 植本 雅治

(54)【発明の名称】 パターン認識装置およびパターン認識方法

(57)【要約】

【目的】 未知パターンが回転や平行移動などの変換を受けている場合にも、これを良好に認識することが可能である。

【構成】 遺伝子集団発生部1では、標準パターンのパターン番号と回転、平行移動などの変換を表わす行列の要素とを遺伝子型としてもつ遺伝子の集団を発生させる。遺伝的操作部4では、予め与えられた標準パターンに対し、その標準パターンに関する情報を有している遺伝子集団内の遺伝子を作用させて、任意のアフィン変換が施された任意の変換標準パターンとし、この変換標準パターンとパターン認識がなされるべき未知パターンとを比較することにより、変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価して淘汰し、遺伝子集団に対して遺伝的操作を施す。この結果、遺伝子集団内の遺伝子の評価値が十分に良くなったとき、この遺伝子内の情報をパターン認識結果として出力する。



## 【特許請求の範囲】

【請求項 1】 未知パターンがどの標準パターンに対応するかを認識するパターン認識装置において、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生する遺伝子集団発生手段と、標準パターンに遺伝子を作用させて変換標準パターンを生成し、該変換標準パターンと未知パターンとを比較することにより該変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価して淘汰し、遺伝子集団に対して遺伝的操作を施す遺伝的操作手段とを備えていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 2】 未知パターンがどの標準パターンに対応するかを認識するパターン認識装置において、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生させる遺伝子集団発生手段と、未知パターンに遺伝子を作用させて変換未知パターンを生成し、該変換未知パターンと標準パターンとを比較することにより該変換未知パターンを生じさせた遺伝子を評価して淘汰し、遺伝子集団に対して遺伝的操作を施す遺伝的操作手段とを備えていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 3】 請求項 1、2 記載のパターン認識装置において、前記遺伝子集団発生手段は、線形変換に関する要素に加えてさらに標準パターンに関する情報をも遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生するようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 4】 請求項 1、2 または 3 記載のパターン認識装置において、前記遺伝子集団発生手段は、線形変換に関する要素として、任意のアフィン変換を表わす行列の要素を用い、任意のアフィン変換を表わす行列の要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生するようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 5】 請求項 1、2 または 3 記載のパターン認識装置において、前記遺伝子集団発生手段は、線形変換に関する要素として、回転、スケール変換、平行移動などの各変換の行列要素を個々に遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生するようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 6】 請求項 5 記載のパターン認識装置において、初期集団の平行移動に関する行列の要素は、入力画像から得られる知識をもとに生成されるようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 7】 請求項 5 記載のパターン認識装置において、平行移動に関する行列の要素に対して行なう遺伝的操作と、回転、スケール変換などの他の行列要素に対して行なう遺伝的操作とを順番に分けて処理するようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 8】 請求項 1 または 2 記載のパターン認識装

置において、変換標準パターンと未知パターンとの少なくとも一方に、または変換未知パターンと標準パターンとの少なくとも一方にぼかし処理を施した上で、これらのパターン間の比較を行ない評価を行なうようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 9】 請求項 8 記載のパターン認識装置において、遺伝子集団が収束するに対応させて、ぼかし処理の程度を段階的に小さくしていくことを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 10】 請求項 1 または 2 記載のパターン認識装置において、住みわけと呼ばれる遺伝的アルゴリズムの手法を利用し、未知パターンに対するパターン認識を行なうようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 11】 請求項 1 または 2 記載のパターン認識装置において、パターン間の類似度により比較、評価を行なうか、または類似度とともに事後確率を用いて比較、評価を行なうようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 12】 請求項 1 または 2 記載のパターン認識装置において、比較、評価にパターン間の類似度を用いる代わりに、学習済みのニューラルネットワークの出力を使用するようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 13】 請求項 1 または 2 記載のパターン認識装置において、3 次元の物体データをもち、3 次元の線形変換を施した後に 2 次元に投影することにより、2 次元入力画像から 3 次元物体のパターン認識を行なうようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 14】 請求項 10 記載のパターン認識装置において、標準パターンとして直線や円、正方形などの単純なプリミティブを使うことによって、未知パターンの特徴、構成を得るようになっていることを特徴とするパターン認識装置。

【請求項 15】 未知パターンがどの標準パターンに対応するかを認識するパターン認識方法において、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生する遺伝子集団発生工程と、標準パターンに遺伝子を作用させて変換標準パターンを生成し、該変換標準パターンと未知パターンとを比較することにより該変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価し、評価結果に応じて変換標準パターンを生じさせた遺伝子を淘汰する淘汰工程とを有し、さらに、淘汰の結果減少した遺伝子数分を生き残った遺伝子から増殖させる増殖工程と、遺伝子集団から任意の一对の遺伝子を選び、任意の一对の遺伝子の任意の位置で遺伝子の一部の入れ替えを行なう交差工程と、遺伝子の任意の位置においてその状態を変化させる突然変異を行なう突然変異工程との 3 つの工程のうちの少なくとも 1 つの工程を備えており、この遺伝子集団によって生成される変換標準パ

ターンの未知パターンに対する適応度の評価結果が良いと判断されるまで、淘汰工程、増殖工程、交差工程、突然変異工程を繰り返して行ない、遺伝子集団を進化させ、適応度が良くなったと評価されたときに、その遺伝子集団の中の所定の遺伝子に対応する標準パターン、または該標準パターンに関する情報を未知パターンのパターン認識結果として出力し、および／または、未知パターンが受けていた変換に関する情報を出力するようになっていたことを特徴とするパターン認識方法。

【請求項 16】 未知パターンがどの標準パターンに対応するかを認識するパターン認識方法において、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生する遺伝子集団発生工程と、未知パターンに遺伝子を作用させて変換未知パターンを生成し、該変換未知パターンと標準パターンとを比較することにより該変換未知パターンを生じさせた遺伝子を評価し、評価結果に応じて変換未知パターンを生じさせた遺伝子を淘汰する淘汰工程と、淘汰の結果減少した遺伝子数分を生き残った遺伝子から増殖させる増殖工程と、遺伝子集団から任意の一对の遺伝子を選び、任意の一对の遺伝子の任意の位置で遺伝子の一部の入れ替えを行なう交差工程と、遺伝子の任意の位置においてその状態を変化させる突然変異を行なう突然変異工程との 3 つの工程のうちの少なくとも 1 つの工程を備えており、この遺伝子集団によって生成される変換未知パターンの所定の標準パターンに対する適応度の評価結果が良いと判断されるまで、淘汰工程、増殖工程、交差工程、突然変異工程を繰り返して行ない、遺伝子集団を進化させ、適応度が良くなったと評価されたときに、前記所定の標準パターン、または該標準パターンに関する情報を未知パターンのパターン認識結果として出力し、および／または、未知パターンが受けていた変換に関する情報を出力するようになっていることを特徴とするパターン認識方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】本発明は、文字認識、図形認識、物体認識、画像再構成、さらには音声認識などのパターン認識に利用されるパターン認識装置およびパターン認識方法に関する。

【0002】

【従来の技術】一般に、文字、図形等のパターンや 3 次元物体、さらには音声パターン等を認識するのに、パターンマッチングやニューラルネットワークを用いたパターン認識装置が知られている。

【0003】

【発明が解決しようとする課題】ところで、近年、当業者間には、文字、図形等のパターンや 3 次元物体、音声パターン等が回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの変換を受けている状態のものを良好に認識しうるパターン認識装置の出現が望まれているが、各種

の変換を受けた状態のパターンや物体等を良好に認識する技術は、現在において、まだ確立されていない。例えば、パターンマッチングを用いるパターン認識装置において、回転不変な特徴量を使用してマッチングを行ったり、予め他の手法で特徴量を正規化してマッチングを行なう試みがなされているが、いずれも、各種の変換を受けた状態のパターン等を良好に認識できるまでに至っていない。また、ニューラルネットワークを用いたパターン認識装置においても、同様に、各種の変換を受けた状態のパターン等を良好に認識できるまでには至っておらず、さらに、ニューラルネットワークを用いる場合には、学習に時間がかかり、また、パターン等の種類数が増えたときの学習方法が確立されていないなどの種々の問題点がある。

【0004】本発明は、文字、図形などのパターンや 3 次元物体等が回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの変換を受けている状態のものとなっている場合にも、これを良好にパターン認識することができ、さらには、パターン等が互いに重なり合っている場合にも各パターン等を良好にパターン認識することの可能なパターン認識装置およびパターン認識方法を提供することを目的としている。

【0005】

【課題を解決するための手段および作用】上記目的を達成するため本発明では、先づ、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生させる。しかる後、標準パターンに遺伝子を作用させて変換標準パターンを生成し、該変換標準パターンと未知パターンとを比較することにより該変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価し、評価結果に応じて変換標準パターンを生じさせた遺伝子を淘汰する。その後、例えば、淘汰の結果減少した遺伝子数分を生き残った遺伝子から増殖させ、遺伝子集団から任意の一对の遺伝子を選び、任意の一对の遺伝子の任意の位置で遺伝子の一部の入れ替えを行ない、遺伝子の任意の位置においてその状態を変化させる突然変異を行なうなどにより、遺伝子集団を進化させ、この遺伝子集団によって生成される変換標準パターンの未知パターンに対する適応度の評価結果が良いと判断されるまで、上記遺伝的操作を遺伝子集団に対し繰り返して行ない、適応度が良くなったと評価されたときに、その遺伝子集団の中の所定の遺伝子（例えば、この遺伝子集団の中で最も良い適応度をもつ遺伝子）に対応する標準パターンを未知パターンのパターン認識結果として出力し、および／または、この遺伝子内の情報、すなわち未知パターンが受けていた変換に関する情報を出力する。

【0006】または、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生させた後、未知パターンに遺伝子を作用させて変換未知パターンを生成し、該変換未知パターンと標準パターンとを比

較することにより該変換未知パターンを生じさせた遺伝子を評価し、評価結果に応じて変換未知パターンを生じさせた遺伝子を淘汰するようにしても良い。この場合には、この遺伝子集団によって生成される変換未知パターンの所定の標準パターンに対する適応度の評価結果が良いと判断されるまで、遺伝的操作を繰り返し行なって遺伝子集団を進化させ、適応度が良くなったと評価されたときに、上記所定の標準パターンを未知パターンのパターン認識結果として出力し、および／または、上記遺伝子集団の中の所定の遺伝子（例えば集団中で最も良い適応度をもつ遺伝子）内の情報、すなわち未知パターンが受けていた変換に関する情報を出力する。

【0007】

【実施例】以下、本発明の一実施例を図面に基づいて説明する。図1は本発明に係るパターン認識装置の一実施例のブロック図である。本実施例のパターン認識装置は、回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの変換を受けている未知パターンが予め与えられた各種の標準パターンのうちのどの標準パターンに対応するかを遺伝的アルゴリズムにより認識するようになっている。

【0008】すなわち、図1を参照すると、本実施例のパターン認識装置は、標準パターンに関する所定の情報（例えばパターン番号）および回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの変換に関する要素（例えば変換を表わす行列の要素）を遺伝子型として定義し、この遺伝子型をもった遺伝子の集団を初期集団（遺伝子集団）として発生させる遺伝子集団発生部1と、予め与えられた標準パターンに対し、その標準パターンに関する情報を有している遺伝子集団内の遺伝子を作用させて、線形変換（例えば任意のアフィン変換）が施された任意の変換標準パターンとし、この変換標準パターンとパターン認識がなされるべき未知パターンとを比較することにより、変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価して淘汰し、遺伝子集団に対して遺伝的操作を施す遺伝的操作部4とを備えている。

【0009】図2は遺伝的操作部4の構成例を示す図であり、この例では、遺伝的操作部4は、予め与えられた標準パターンに対し、その標準パターンに関する情報を有している遺伝子を作用させて線形変換（例えば任意のアフィン変換）が施された任意の変換標準パターンを生成する変換標準パターン生成部2と、変換標準パターンと未知パターンとを比較し、例えばこれらの間の類似度または距離を求め、これに基づき、この変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価する評価部3と、評価結果（例えば評価値）に応じて変換標準パターンを生じさせた遺伝子を淘汰する淘汰部14と、淘汰の結果減少した遺伝子数分を生き残った遺伝子から増殖（reproduction）させる増殖部15と、遺伝子集団から任意の一对の遺伝子を選び、任意の一对の遺伝子の任意の位置で遺伝

子の一部の入れ替え（cross over）を行なう交差部16と、遺伝子の任意の位置においてその状態を変化させる突然変異（mutation）を行なう突然変異部17とを有している。

【0010】本実施例のパターン認識装置は、このような各種の遺伝的操作を遺伝子集団に施し、遺伝子集団を進化させ、この遺伝子集団によって生成される変換標準パターンの未知パターンに対する適応度が例えば十分良くなったと評価されたときに、その遺伝子集団の中の所定の遺伝子（例えばこの遺伝子集団中で最も良い適応度をもつ遺伝子）に対応する標準パターンが未知パターンのパターン認識結果として出力され、および／または、この遺伝子内の情報、すなわち未知パターンが受けていた変換に関する情報が出力されるようになっている。

【0011】なお、増殖部15、交差部16、突然変異部17は、これら全てが具備されているのが最も望ましく、特に交差部16は遺伝的操作において重要な機能を有しているが、場合に応じて、これらのうちの1つだけ、あるいは2つだけを設けるようにしても良い。

【0012】次にこのような構成のパターン認識装置の処理動作を図3のフローチャートを用いて説明する。なお、以下では説明の便宜上、このパターン認識装置を文字パターン認識に適用する場合について述べる。

【0013】ステップS1では、解候補としての遺伝子集団を発生させるため、先づ、遺伝子型の設定を行なう。すなわち、本実施例では、解候補としての遺伝子集団を遺伝的アルゴリズムを用いて進化させ、最適解を見つけることを意図しており、このためには、問題に対する解候補を遺伝子型としてコード化する必要がある。回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの変換を受けているパターン認識の問題の場合、この問題に対して求められている解としては、変換を受けている未知パターンが予め用意されている各種の標準パターンのどの標準パターンに対応するかの認識結果（例えば標準パターン自体、あるいは標準パターンのパターン番号）、および／または、未知パターンが受けていた変換に関する情報を設定することができる。

【0014】ところで、本実施例では、変換を受けている未知パターンがどの標準パターンに対応するかを調べるのに、標準パターンに各種の変換を施し、これを未知パターンと対比して評価するようにしており、未知パターンが受けている変換に関する上記情報とは、換言すれば、標準パターンに施されるべき変換に関する情報を意味している。この場合、標準パターンに対し、回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの線形変換（一次変換）を全て含めたアフィン変換を施すようにする場合、このアフィン変換は、次式のように表わされる。

【0015】

【数1】

$$\{g_i\}_K = A \{f_i\}_K + O_i$$

【0016】ここで、 $i$ は標準パターンのパターン番号、 $f_i$ は $i$ 番目の標準パターン中の画素の座標であり、 $i$ 番目の標準パターンは、画素の座標 $f_i$ の $M$ 個の集合 $\{f_i\}$ で表わされる。また、 $O_i$ は $i$ 番目の標準パターン $\{f_i\}$ に対する平行移動変換の行列（ベクトル）であり、 $A$ は回転変換およびスケール変換（拡大、縮小）の行列である。なお、行列 $A$ の各要素の大きさの比率（割合）により回転量が定まり、また行列 $A$ の各要素の絶対値の大きさにより、拡大、縮小量が定められる。従って、数1は、 $i$ 番目の標準パターン $\{f_i\}$ の画素の座標 $f_i$ が、行列 $A$ で表わされる回転変換、スケール変換（拡大、縮小）を施され、さらに行列（ベクトル） $O_i$ で平行移動変換を施された結果、座標 $g_i$ に移動することを表わしている。このように、標準パターンの全ての画素の座標集合 $\{f_i\}$ に対して、 $A$ 、 $O_i$ のアフィン変換を施すことで、 $\{g_i\}$ の変換標準パターンを得ることができる。数1を要素を用いて表わすと、次式のようになる。

【0017】

【数2】

$$\begin{pmatrix} g_i^0 \\ g_i^1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A^{00} & A^{01} \\ A^{10} & A^{11} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} f_i^0 \\ f_i^1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} O_i^0 \\ O_i^1 \end{pmatrix}$$

【0018】なお、数2は、標準パターンが2次元のパターンである場合が示されているが、標準パターンが3次元あるいはそれ以上の高次元となる場合でも、同様のことが成立する。その際には、 $g_i$ 、 $f_i$ は $n$ 次元ベクトル、 $A$ は $n \times n$ の行列、 $O_i$ は $n$ 次元のベクトル（ $n \times 1$ の行列）である。

【0019】このように、ステップS1では、具体的には、アフィン変換を表わす行列 $A$ 、 $O_i$ の各要素と、標準パターンのパターン番号 $i$ とを遺伝子にコード化する。なお、 $O_i$ はベクトルであるが、本発明においては、ベクトルも行列の一種であるとして定義する。また、行列 $A$ 、 $O_i$ は、その要素が一般に実数値をもつが、ここでは簡単のため、実数値を離散値に量子化し、さらにこの離散値を2進数で表わしたものを要素としてもつとする。もちろん、実数のまま遺伝子にコード化して実数パラメータに対応した遺伝的アルゴリズムを用いても良い。また、アフィン変換の行列 $A$ 、 $O_i$ については、これら全てが同時に備わっておらずとも良く、例えば、回転だけ、スケール変換だけ、平行移動だけの場合もあるし、回転とスケール変換だけのこともあるし、回転と平行移動だけのこともあるし、あるいはスケール変換と平行移動だけのこともある。図4は、遺伝子へのコード化の一例であり、図4において、“011”はパターン番号（ $i=3$ ）を示し、“101”、“001”、“101”、“011”は行列 $A$ の各要素の値、

$K=1, 2, \dots, M$

“011”、“101”は行列 $O_i$ の各要素の値を示している。

【0020】ステップS1において、遺伝子型を図4のような形式に設定し、この遺伝子型へのコード化の仕方が図4に示したように定まると、ステップS2では、図4に示したような遺伝子型をもつ遺伝子を多数生成して、これを解候補集団、すなわち遺伝子集団として初期設定する。例えば、遺伝子集団として、図4における“1”、“0”の各パターン（標準パターン番号 $i$ 、アフィン変換行列要素 $A$ 、 $O_i$ ）をランダムに生成したものを多数用意することができる。なお、遺伝子集団としては、遺伝子をランダムに多数生成したものであるのが通常最も良いが、場合に応じて遺伝子を規則的に（例えば一定の回転角度間隔ごとに）多数生成するようにすることもできる。

【0021】図5は、ランダムにして発生された遺伝子集団の一例を示す図である。図5では、簡単のため、3種類の標準パターン（標準パターン番号 $i=1$ 、“1”、“2”、“3”）が予め用意されていると仮定しており、図中、“○”、“△”、“□”は標準パターン番号 $i$ がそれぞれ“1”、“2”、“3”をもつ遺伝子を表わしている。

【0022】このようにして、図5のような遺伝子集団を発生させた後、ステップS3では、この遺伝子集団からある1つの遺伝子を取り出し、この遺伝子を、予め用意されている各種の標準パターン（この例では3種の標準パターン）のうちでその標準パターン番号 $i$ をもつ標準パターンに作用させて、任意のアフィン変換が施された任意の標準パターンからなる変換標準パターンを生成する。

【0023】例えば、図4に示す1つの遺伝子は、標準パターン番号 $i$ が“3”をもつので、図6に示すように、標準パターン番号 $i$ が“3”の標準パターン

$\{f_3\}$ に次式のように作用し、1つの変換標準パターン $\{g_3\}$ を生成する。

【0024】

【数3】

$$\begin{pmatrix} g_3^0 \\ g_3^1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 5 & 1 \\ 5 & 3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} f_3^0 \\ f_3^1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 3 \\ 5 \end{pmatrix}$$

【0025】なお、数3において、遺伝子の各コード“101”等は、10進数で表わされている。

【0026】このようにして、1つの遺伝子に対応した1つの変換標準パターンが得られると、ステップS4では、この変換標準パターンと未知パターンとの比較処理を行なう。具体的には、例えば図6に示すようなパターンマッチングにより、これらの類似度を求めて、この類似度に基づき、この変換標準パターンを生じさせた遺伝

子の適応度を評価する。なお、類似度の尺度としては、例えば2つのパターン間のユークリッド距離を用い、これを評価値として算出することができる。この場合、ユークリッド距離が小さい程、評価値は高くなる。

【0027】このようにして、遺伝子集団のある1つの遺伝子をその標準パターン番号  $i$  をもつ標準パターンに作用させて変換標準パターンとし、この変換標準パターンを未知パターンと比較することで、この変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価した後、遺伝子集団の他の遺伝子に対しても、同様の処理、すなわち変換標準パターンの生成、遺伝子の評価を行なう。具体的には、遺伝子集団の全ての遺伝子のそれぞれについて、ステップ S 3 乃至 S 4 の処理を行なって、遺伝子集団に対する評価を行なう。

【0028】次いで、ステップ S 5 では、遺伝子集団全体の評価値が十分に良いかを判断し、まだ十分には良くなっていないときには、遺伝子集団を進化させるため、ステップ S 6 に進み、各遺伝子の評価値に応じて遺伝子に対して淘汰処理を施す。この場合、淘汰処理の方法としては、具体的には、例えば評価値が所定閾値よりも小さいときには、この遺伝子を集団から除去し、評価値が所定の閾値よりも大きいときにのみ、この遺伝子を生き残すようにすることもできる。あるいは、評価値の低い方から一定の個数の遺伝子を集団から除去したり、全体の評価値の分布を基に、評価値の低いものを確率的に遺伝子集団から除去したりするなどの種々の方法が考えられる。

【0029】上記のようにして、遺伝子集団の全ての遺伝子に対して淘汰処理がなされた後、ステップ S 7 に進み、淘汰によって減少した遺伝子数を補うため、増殖処理を行なう。なお、この増殖処理は、評価値の高い遺伝子を単純にコピーしても良いし、あるいは、交差、突然変異処理で生成された新たな遺伝子を追加しても良いし（この場合には増殖処理は交差、突然変異と同時に実行される）、あるいは全く新たな遺伝子を生成しこれを追加しても良い。但し、この際留意すべきは、遺伝子集団の多様性を失わないように増殖を行なう必要がある。

【0030】次いで、ステップ S 8 では、遺伝子集団の中から任意に一对の遺伝子を選び、この一对の遺伝子の一部を互いに入れ替える交差処理を行なう。図 7 はこの交差処理の具体例を示す図であり、遺伝子集団の中から適当に選んだ一对の遺伝子  $\# i$ 、 $\# j$  を親遺伝子とし、この2つの親遺伝子  $\# i$ 、 $\# j$  の一部分、“1110”、“0011”の部分を入れ替えて、一对の子遺伝子  $\# i'$ 、 $\# j'$  としている。この交差処理がなされた結果、一方の遺伝子の性能が劣化する場合であっても、他方の遺伝子の性能は交差によって向上することもあるので、この交差処理は、遺伝的操作の中において最も特徴的な操作である。

【0031】次いで、ステップ S 9 では、遺伝子集団に

対して突然変異処理を施す。より具体的には、遺伝子のある位置の状態を変化させる。例えば、2値にコード化された遺伝子を使用している場合には、突然変異を受ける位置のビットを反転させるなどの操作を行なう。図 8 はこの突然変異処理の具体例を示す図であり、この例では、遺伝子  $\# m$  の任意の位置におけるビット“0”を“1”に反転させている。

【0032】このようにして、ステップ S 3 乃至 S 9 で、変換標準パターン生成、評価、淘汰、増殖、交差、突然変異の一連の遺伝的操作を遺伝子集団に対して行なって、遺伝子集団を進化させた後、再びステップ S 3 に戻り、進化した遺伝子集団の各遺伝子に対し順次に、上述したと同様の仕方ですてップ S 3 乃至 S 4 の変換標準パターン生成、評価処理を施す。そして、ステップ S 5 では、遺伝子集団が進化した結果、全体の評価値が十分良くなかったかを判断し、評価値がまだ十分には良くなっていない場合には、再度ステップ S 6、S 7、S 8、S 9、S 3、S 4 の操作を行なう。このように評価値が十分に良くなるまで、ステップ S 3 乃至 S 9 の遺伝的操作を遺伝子集団に対し繰り返し行ない、遺伝子集団を進化させる。これにより、ステップ S 5 で評価値が十分良くなったと判断されると、ステップ S 10 では、得られた遺伝子集団の中で最も高い評価値を与える遺伝子を読み出し、この遺伝子の標準パターン番号  $i$  を、あるいはこの標準パターン番号  $i$  をもつ標準パターンを未知パターンに対するパターン認識結果として出力する。また、この遺伝子内の他の情報  $A$ 、 $O_i$ 、すなわち未知パターンが受けていた変換に関する情報をも出力する。なお、未知パターンが受けていた変換に関する情報を出力することで、例えば入力画像内にある未知パターンを認識しようとする際に、この未知パターンが入力画像全体に対し、どの程度、回転、スケール変換、あるいは平行移動していたかを容易に知ることが可能となる。

【0033】図 9 (a) 乃至 (f) はパターン認識処理の具体例を示す図である。いま、図 9 (a) に示すように、遺伝子集団  $G$  内において、標準パターン番号  $i$  が“1”、“2”、“3”の値をもつ遺伝子がそれぞれ  $N_1$  個、 $N_2$  個、 $N_3$  個であるとする、これらがそれぞれ対応した標準パターンに作用する結果、標準パターン番号  $i$  が“1”の標準パターンに対しては、これに  $N_1$  種類の任意ランダムのアフィン変換がそれぞれ施されて  $N_1$  個の変換標準パターンが生成され、標準パターン番号  $i$  が“2”の標準パターンに対しては、これに  $N_2$  種類の任意ランダムのアフィン変換が施されて  $N_2$  個の変換標準パターンが生成され、標準パターン番号  $i$  が“3”の標準パターンに対しては、これに  $N_3$  種類の任意ランダムのアフィン変換が施されて  $N_3$  個の変換標準パターンが生成され、この結果、図 7 (b) に示すように、遺伝子集団内の遺伝子の総数 ( $N_1 + N_2 + N_3$ ) と同じ総数の変換標準パターンが生成される。



【0034】この $(N_1 + N_2 + N_3)$ 個の変換標準パターンがそれぞれ未知パターンと比較され、それぞれ類似度が求められ、この類似度を評価値として、この評価値に基づいて各変換標準パターン、正確には各変換標準パターンを生じさせた各遺伝子の淘汰処理がなされる。これにより、図9(a)の遺伝子集団は、例えば図9

(c)のようになる。しかる後、図9(c)の遺伝子集団に対し増殖、交差、突然変異処理を施すと、遺伝子集団は例えば図9(d)のようになる。

【0035】なお、パターン番号 $i$ が“1”，“2”，“3”の値をそれぞれもつ遺伝子の個数 $N_1$ ， $N_2$ ， $N_3$ は、各遺伝子が淘汰処理を受け、また遺伝子のもつパターン番号 $i$ が増殖、交差、突然変異により変更されることにより遺伝子集団が図9(d)の状態となった時点で、 $N_1'$ ， $N_2'$ ， $N_3'$ のように変わっている。

【0036】しかる後、図9(d)の状態の遺伝子集団内の遺伝子を上述したと同様にして、対応した標準パターンに作用させて、図9(e)のような $(N_1' + N_2' + N_3')$ 個の変換標準パターンを生成し、それぞれ未知パターンと比較して、評価値を求める。

【0037】このような一連の遺伝子操作を繰り返し行なって、遺伝子集団が例えば図9(f)のような状態となり、遺伝子集団全体の評価値が十分良くなった時点でパターン認識結果を出力する。すなわち、図6、図9(a)乃至(f)の例では、標準パターン番号 $i$ が“3”の値をもつ遺伝子(“□”)、すなわち標準パターン「う」が未知パターンに対する認識結果として出力され、またこれとともにこの遺伝子内の変換に関する情報A， $O_i$ も出力される。

【0038】このようにして、本実施例では、未知パターンが回転、スケール変換(拡大、縮小)、平行移動などの変換、変形を受けている場合にも、遺伝的アルゴリズムにより、この未知パターンを良好にパターン認識することができ、さらにはこの未知パターンがどの程度の回転、スケール変換、平行移動を受けていたかということをも把握することができる。

【0039】なお、図9(a)乃至(f)の処理では、説明の便宜上、遺伝子集団内の各遺伝子をこれに対応する各標準パターンに作用させて、 $(N_1 + N_2 + N_3)$ 個の変換標準パターンからなる変換標準パターン集団として生成した後に、変換標準パターン集団内の各変換標準パターンと未知パターンとを比較することで、遺伝子集団内の各変換標準パターンに対応した各遺伝子进行评估し、遺伝子集団を淘汰させている。

【0040】もちろん、このような処理(例えば並列処理)によっても、パターン認識処理を行なうことはできるが、このときには、 $(N_1 + N_2 + N_3)$ 個の遺伝子集団とは別に、 $(N_1 + N_2 + N_3)$ 個の変換標準パターン集団を保持していなければならず、また、評価、淘汰時に、遺伝子集団の各遺伝子と変換標準パターン集団の各

変換標準パターンとの対応付けが極めて煩雑なものとなる恐れがある。

【0041】従って、実際には、前述したように、遺伝子集団の $(N_1 + N_2 + N_3)$ 個の遺伝子のうちの1つの遺伝子について、変換標準パターンの生成、評価を同時に(連続的に)行ない、しかる後、他の遺伝子について順次に同様の処理を行ない、この連続的な処理を $(N_1 + N_2 + N_3)$ 回繰り返して(すなわち、ステップS3乃至S4を $(N_1 + N_2 + N_3)$ 回繰り返して)、遺伝子全ての評価結果を得、しかる後、淘汰処理を行なうのが良い。あるいは、遺伝子集団の $(N_1 + N_2 + N_3)$ 個の遺伝子のうちの1つの遺伝子に対して、変換標準パターンの生成、評価、淘汰の処理を同時に(連続的に)行ない、この処理を他の遺伝子に対しても $(N_1 + N_2 + N_3)$ 回繰り返して、最終的な淘汰結果とすることもできる。これらの場合には、ある1つの時点では、1つの変換標準パターンだけを保持していれば良く、また、この1つの変換標準パターンを生じさせた1つの遺伝子に対して評価がなされるので、処理を容易に行なうことが可能となる。

【0042】また、上述の例では、初期集団発生時に、遺伝子にパターン番号 $i$ をランダムに割当てたが、パターン番号 $i$ についてはこれをランダムではなく規則正しく割当て、各パターン番号 $i$ (=“1”，“2”，“3”)をもつ遺伝子の個数を予め決めておくこともできる。例えば、最初に生成した $N_1$ 個の遺伝子に対してはパターン番号 $i$ として“1”を割当て、次に生成した $N_2$ 個の遺伝子に対してはパターン番号 $i$ として“2”を割当て、最後に生成した $N_3$ 個の遺伝子に対してはパターン番号 $i$ として“3”を割当てるというように、パターン番号 $i$ (“1”，“2”，“3”)をそれぞれもつ遺伝子の個数を予め決めておいても良い。また、このようにする場合、パターン番号 $i$ を遺伝子内に必ずしもコード化せずとも良い。すなわち、遺伝子型としては、任意のアフィン変換の行列の要素だけをコード化したものとして定義することもでき、各遺伝子に例えばフラグのような形でパターン番号 $i$ を割り振るようにして、遺伝子と標準パターンとの対応付けを行なうこともできる。但し、このときには、遺伝子集団に対する交差、突然変異等の処理において、パターン番号については交差、突然変異がなされないので、ある場合には、遺伝子集団を良好に進化させることができなくなることもある。従って、各パターン番号をもつ遺伝子の個数を予め決めておくときでも、パターン番号については、場合に依じて、これを遺伝子内にコード化し、パターン番号についても遺伝的操作がなされるようにしておくのが良い。

【0043】また、上述の例では、多数のランダムな任意のアフィン変換の行列の要素を遺伝子にコード化したが、場合に依じて、アフィン変換の行列の要素に対して

制限を加えることもできる。例えば、このパターン認識装置を文字認識に適用する場合、数字の「1」と「7」では、縦横のスケール変換（拡大、縮小）を任意ランダムなものに設定すると、本来「1」と認識されるべきところを「7」と誤認識したり、これと反対に、本来「7」と認識されるべきところを「1」と誤認識したりするというような問題が生じる。この場合には、アフィン変換の行列Aの各要素の絶対値の大きさの取りうる範囲について、一定の制限を加え、無制限に横方向に拡大、縮小したり、無制限に縦方向に拡大、縮小したりするのを防ぐ必要がある。また、数字の「6」と「9」では、回転を任意ランダムなものに設定すると、これらの間で誤認識の問題が生ずる。この場合には、アフィン変換の行列Aの各要素の大きさの取りうる範囲について（角度範囲について）、一定の制限を加え、無制限の回転を防止する必要がある。

【0044】また、アフィン変換を表わす1つの行列の要素のかわりに、回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの個々の行列に分けて、各行列の要素を遺伝子に個々にコード化しても良い。この場合には、直観的にわかりやすく、さらに遺伝子の変化と評価値の変化の関連が強く、よりよい結果が期待される。また、遺伝子集団の初期集団を生成する時に、入力画像（未知パターン）から得られる知識を利用しやすくなる。例えば、入力画像において未知パターンが全体に広がっているようなら、スケールを表わす要素の初期集団を全体に多めに設定することができる。平行移動の行列O<sub>1</sub>に関しても、画像の分布から初期集団を意識的に偏らせることもできる。

【0045】また、実際に遺伝的アルゴリズムを働かせる際に、始めに評価に最も関わるのは平行移動の部分である。場所がある程度決定していないうちに回転の要素を使っても、評価に関わりがない。そのため位置決定がなされるまでに、遺伝的浮動によって回転などに関する遺伝子が多様性を失ってしまい、それらに関する遺伝的アルゴリズムがうまく働かないことも考えられる。すなわち、位置決定前は回転などの要素が評価値に果たす役割は少なく、遺伝的浮動によって回転などの要素に関する多様性が失われる恐れがある。これを避けるために、位置決定に関する遺伝的アルゴリズムと他のパラメータに関する遺伝的アルゴリズムを分けるようにしても良い。

【0046】また、遺伝的アルゴリズムは目的関数の形を知らなくても実行可能であるが、遺伝的アルゴリズムを良好に働かせるためには評価関数（評価値）がある程度なだらかなであるほうが良い。そこで未知パターンと変換標準パターンとの類似度を測る時に、画像にぼかしをかければ、評価関数をなだらかにすることができる。さらに、ある程度集団が収束してくれば、ぼかしの度合を小さくしていくことができ、より精密に類似度を測るこ

とができる。

【0047】さらには、遺伝的アルゴリズムにおいて、「住みわけ」と呼ばれる手法があり、この手法では、探索空間において（遺伝子の張る空間において）近い遺伝子が評価値を分配するという概念を導入する。この手法を使うと、目的関数が多峰性の時には、各峰にその峰の高さに応じた個数の遺伝子が集まっていく。これをこのパターン認識に応用すれば、一画面に複数の未知パターンがあり、それが重なっていたりする時にでも、それらを同時に遺伝的アルゴリズムによって認識することが可能になる。具体的には、標準パターンとして線や四角、円などの単純なパターンを使い、「住みわけ」の手法を利用すれば、未知パターンがどのような画像であるのか（例えば四角と円が組合わさった図形であるのか）ということ容易に認識することができる。

【0048】また、上述の実施例では、パターン間の類似度を評価関数（評価値）として利用したが、パターン間の類似度のかわりに画像処理で使われる事後確率を評価値（基準尺度）として利用することもできるし、両方を併用することもできる。また、評価値としてパターン間の類似度を測る代わりに、遺伝的操作で変換した変換標準パターンを学習済みのニューラルネットワークへ入力し、この出力を利用することもでき、このようにすれば、ニューラルネットワーク特有のノイズなどに強い認識が可能となる。

【0049】また、上述の実施例では、2次元のパターンの認識について主に説明したが、3次元の物体に関しても同じ方法でパターン認識を行なうことができる。例えば2次元の入力画像に対して、3次元の物体のデータに数1のアフィン変換を施し、さらに2次元に射影して比べることによって、2次元の入力画像から3次元物体の認識を行なうことができる。さらには、未知の音声パターンについても、上述した画像パターンの認識処理と同様の処理によって、音声パターンを認識することができる。

【0050】さらに、上述の実施例では、遺伝子を標準パターンに作用させて変換標準パターンとし、この変換標準パターンと未知パターンとを比較したが、これとは反対に、未知パターンに遺伝子を作用させて変換未知パターンとし、これを各種の標準パターンと比較して遺伝子を評価、淘汰し、遺伝的集団に遺伝子的操作を施し、この結果、遺伝子集団のある1つの遺伝子の作用を受けた変換未知パターンとある1つの標準パターンとを比較したときに、例えば、これらの間の類似度が非常に高くなった場合には、この標準パターンを未知パターンに対する認識結果として出力するようにしても良い。このときには、入力画像から得られる知識を利用できるので、未知パターンを切り出すべき領域を限定でき、遺伝的アルゴリズムにおける探索領域を狭めることができ、効率的な探索が可能となる。

【0051】また、この場合においても、前述と同様に、遺伝子に変換に関する情報A、O<sub>i</sub>とともに標準パターンに関する情報（例えば標準パターン番号）をもコード化させることが可能であって、このときには、評価において、1つの変換未知パターンをそのパターン番号をもつ標準パターンとだけ比較し、評価結果を得ることができる。これに対し、遺伝子に変換に関する情報A、O<sub>i</sub>だけをコード化し、標準パターンに関する情報（例えば標準パターン番号）についてはこれを遺伝子にコード化しないようにすることも可能である。この場合には、各遺伝子と各種の標準パターンとの対応付け等をせずとも良く、従って、遺伝子集団を小さな集団のものにすることが期待できる。また、遺伝子内の構造もより簡単なものにすることができる。但し、この場合には、評価において、1つの変換未知パターンを各種の標準パターンのそれぞれと順次に比較する必要がある。

【0052】さらに、未知パターンに遺伝子を作用させる場合にも、標準パターンに遺伝子を作用させるのと同様に、上述したような種々の変形が可能である。

【0053】また、遺伝子を標準パターンに作用させる方式、遺伝子を未知パターンに作用させる方式のいずれの場合においても、遺伝子に標準パターンに関する情報をもコード化しようとする際には、標準パターンに関する情報としては標準パターンを識別することができるものであれば良く、標準パターン番号に限らず任意所望のものを設定することができる。但し、標準パターン自体を遺伝子にコード化するのは好ましくない。

【0054】

【発明の効果】以上に説明したように、請求項1、2、3、4、15、16記載の発明によれば、線形変換に関する要素を遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生させた後、標準パターンに遺伝子を作用させて変換標準パターンを生成し、該変換標準パターンと未知パターンとを比較することにより該変換標準パターンを生じさせた遺伝子を評価して淘汰し、遺伝子集団に対して遺伝的操作を施すか、または、未知パターンに遺伝子を作用させて変換未知パターンを生成し、該変換未知パターンと標準パターンとを比較することにより該変換未知パターンを生じさせた遺伝子を評価して淘汰し、遺伝子集団に対して遺伝的操作を施すようになっているので、未知パターンが回転、スケール変換（拡大、縮小）、平行移動などの変換を受けている状態のものとなっている場合にも、これを良好にパターン認識することができ、さらには、未知パターンが受けている変換の内容をも知ることができる。

【0055】また、請求項5記載のパターン認識装置によれば、線形変換に関する要素として、回転、スケール変換、平行移動などの各変換の行列要素を個々に遺伝子型に有している遺伝子の集団を初期集団として発生するようになっているので、直観的にわかりやすく、また評

価値と各行列要素との関連が深いため、遺伝子の変化に対して評価関数がなだらかになり、遺伝的アルゴリズムをより良好に働かせることができる。

【0056】また、請求項6記載のパターン認識装置によれば、入力画像の分布から得た知識を使って、初期集団における平行移動に関する行列の要素を、意識的に設定するようにしているので、より効率的な探索を行なうことができる。

【0057】また、請求項7記載のパターン認識装置によれば、平行移動に関する行列の要素に対して行なう遺伝的操作と、回転、スケール変換などの他の行列要素に対して行なう遺伝的操作とを順番に分けて処理するようになっているので、回転などの要素に関する多様性の保持ができ、極小値に陥りにくい探索を行なうことができる。

【0058】また、請求項8記載のパターン認識装置によれば、変換標準パターンと未知パターンとの少なくとも一方に、または変換未知パターンと標準パターンとの少なくとも一方にばかり処理を施した上で、これらのパターン間の比較を行ない評価を行なうようになっているので、評価関数を遺伝子の変化に対してなだらかなものにすることができ、より良好に遺伝的アルゴリズムを働かせることができる。

【0059】また、請求項9記載のパターン認識装置によれば、遺伝子集団が収束するに対応させて、ばかり処理の程度を段階的に小さくしていくので、請求項8におけるなだらかな評価関数を実現でき、かつ、より詳しく類似度を測ることができて、正確なパターン認識を行なうことができる。

【0060】また、請求項10記載のパターン認識装置によれば、住みわけと呼ばれる遺伝的アルゴリズムの手法を利用し、未知パターンに対するパターン認識を行なうようになっているので、1つの入力画面に複数の未知パターンがある時にでもそれらの未知パターンをそれぞれパターン認識することができる。

【0061】また、請求項11記載のパターン認識装置によれば、パターン間の類似度により比較、評価を行なうか、または類似度とともに事後確率を用いて比較、評価を行なうようになっているので、複数の評価基準を使うことによって、より正確な評価が実現できる。

【0062】また、請求項12記載のパターン認識装置によれば、比較、評価にパターン間の類似度を用いる代わりに、学習済みのニューラルネットワークの出力を使用するようになっているので、雑音などに強い認識を行なうことができ、また、ニューラルネットワークで問題となっていたパターン数増加の時の学習時間の増加に関しても、各パターンに対するニューラルネットワークを用意するだけで良い。

【0063】また、請求項13記載のパターン認識装置によれば、3次元の物体データをもち、3次元の線形変

換を施した後に2次元に投影することにより、2次元入力画像から3次元物体のパターン認識を行なうようになっているので、2次元画像からの3次元物体のパターン認識を容易に行なうことができる。

【0064】また、請求項14記載のパターン認識装置によれば、標準パターンとして直線や円、正方形などの単純なプリミティブを使うことによって、未知パターンの特徴、構成を得るようになっているので、従来のパターン認識とは異なり、画像の特徴、構成を把握することができる。

【図面の簡単な説明】

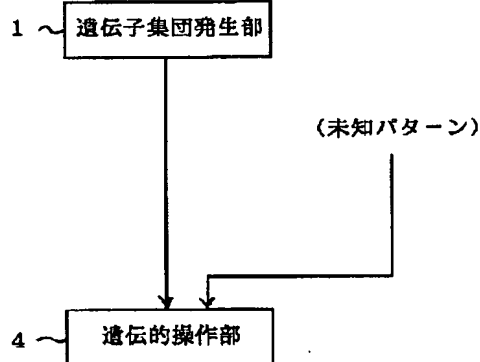
【図1】本発明に係るパターン認識装置の一実施例のブロック図である。

【図2】遺伝的操作部の構成例を示す図である。

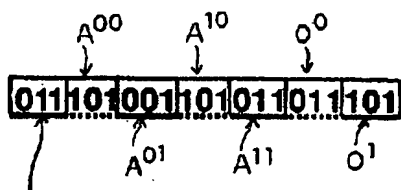
【図3】図1、図2のパターン認識装置の処理動作の一例を示すフローチャートである。

【図4】遺伝子型の形式の一例を示す図である。

【図1】



【図4】



パターン番号 i

【図5】初期集団としての遺伝子集団の一例を示す図である。

【図6】変換標準パターンの生成処理並びに比較処理を説明するための図である。

【図7】交差処理の具体例を示す図である。

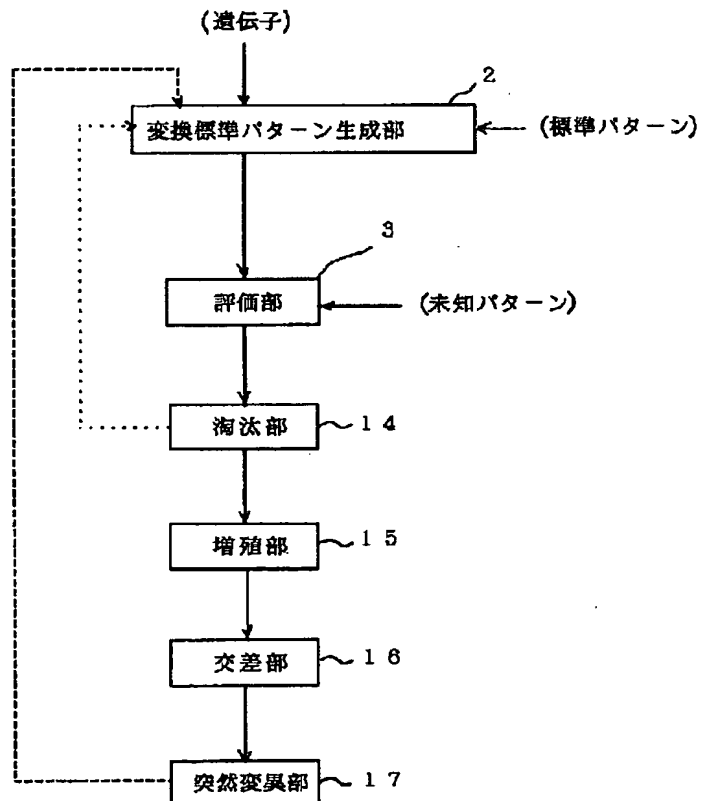
【図8】突然変異処理の具体例を示す図である。

【図9】本発明のパターン認識処理の具体例を示す図である。

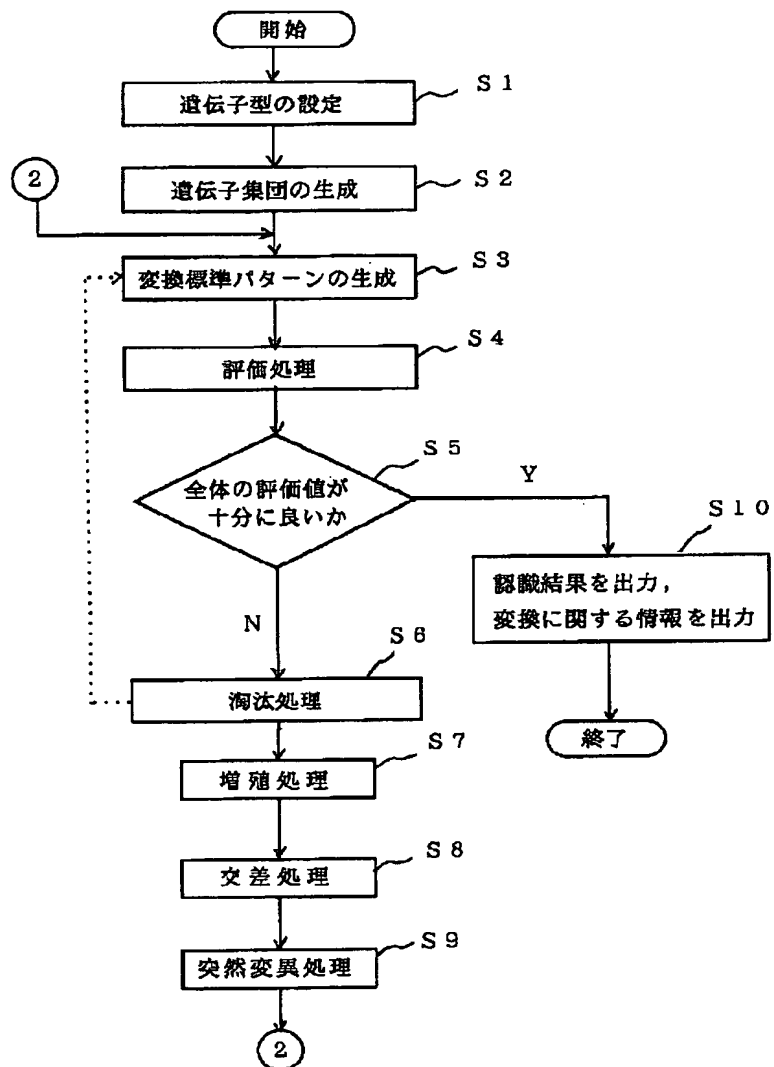
【符号の説明】

- |    |    |             |
|----|----|-------------|
| 10 | 1  | 遺伝子集団発生部    |
|    | 2  | 変換標準パターン生成部 |
|    | 3  | 評価部         |
|    | 4  | 遺伝的操作部      |
|    | 14 | 淘汰部         |
|    | 15 | 増殖部         |
|    | 16 | 交差部         |
|    | 17 | 突然変異部       |

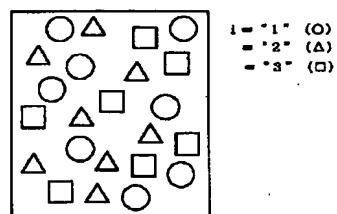
【図2】



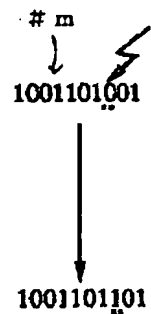
【図3】



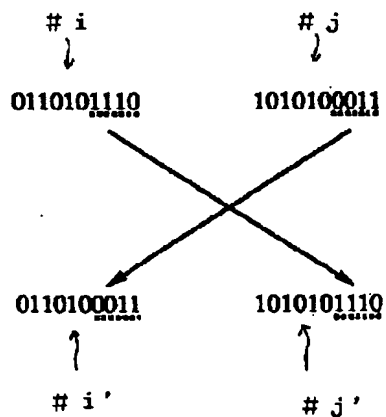
【図5】



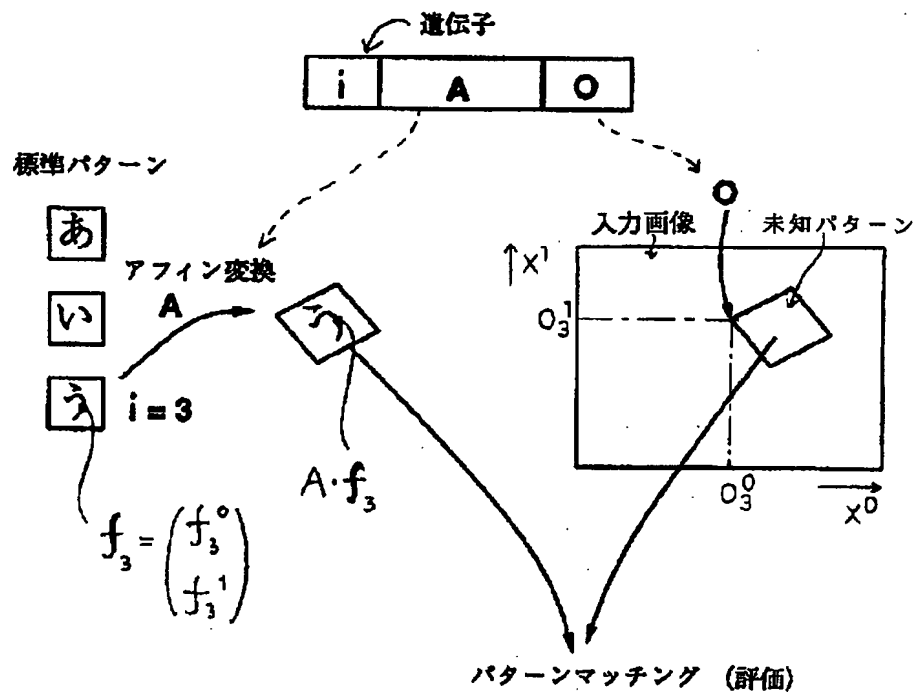
【図8】



【図7】



【図6】



【図9】

